



Fig. 3A

[illegible]

[illegible]

Fig. 4A

SEQ ID NO: 24	1	ASSSLFQSLPFSLQTSK.PYAPPKPAAHFVVRA.....QSP	60
SEQ ID NO: 26		LTQNNSSSKHRRPAD	
SEQ ID NO: 27	LSSCLFNASVSSLNPKQDPIRRHRSTSLLRHPVVISCTADGNNIKAPIETAVKPPHRTE	
SEQ ID NO: 20	61MENGAATNGASEKSHSPS	120
SEQ ID NO: 22	ENIRDEARRINAPHDHLFSAKYVPFNADSSSSSTESYSLDEIVYRSQSGLLDVQHDM	
SEQ ID NO: 24	DNIRDEARR.NRSNAVNPFSAKYVPFNA...APGSTESYSLDEIVYRSRSGLLDVEHDM	
SEQ ID NO: 26	QTYLSTRGDDYGLSFETW.....DALKRF	
SEQ ID NO: 27		GEYWRNLFDSRVGKTTWPYGS	
SEQ ID NO: 16	121	GVWSKKEWLPEIHDDDIVSAFEGNSNLFWAE	180
SEQ ID NO: 18	EAL	
SEQ ID NO: 20		KRFDGAYWRDLFDSRVGKSTWPYGS	
SEQ ID NO: 22		GVWSKKEWLPEIDDDDIVSAFEGNSNLFWAE	
SEQ ID NO: 24	VGCASTGDTSA	
SEQ ID NO: 26	LKGLAADGGLFLPEEVPAATEWQSWKDLPYTELAVKV.....RFGKQFLGMNDLWVKHCGISHTGSKFDLGMTVLVSQVNRRLRKMNRPVVGVGCASTGDTSA	
SEQ ID NO: 27	RFGKQFLGMNDLWVKHCGISHTGSKFDLGMTVLVSQVNRRLRKMNRPVVGVGCASTGDTSA	

241	300
SEQ ID NO:16	ALSAACAAAGIPAIVFLPADRISLQQLIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAELPI
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20	.LSLYISPAEVPTE.....DLRALVER.....
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24	ALSAACASAAIPSIIVFLPANKISLAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREVTAELPI
SEQ ID NO:26LIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAELPI
SEQ ID NO:27	ALSAACASAGIPSIIVFLPANKISMAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREITAEPLI
301	360
SEQ ID NO:16	YLANSLNPL.RLEGQKTAIEILQQFNWQVPDWVIVPGGNLGNIAFYKGFEMCRVGLGV
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20SYSTFRSKEVVPLVKLEDNLHLELFHGPNYSF.....
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24	YLANSLNSL.KLEGQKTAIEILQQFDWQVPDWVIVPGSNLGNIAFYKGFKMFQELGLV
SEQ ID NO:26	YLANSLNSL.XLEGQKTAAIRDIATXNWQVPGLGHIPIRRQSXTFYAFLQGF.....
SEQ ID NO:27	YLANSLNSL.RLEGQKTAIEILQQFDWQVPDWVIVPGGNLGNIAFYKGFKMCQELGLV
361	420
SEQ ID NO:16	DRVPRLVCAQAANANPLYRYYKSGWTEFEFPQTAETTFASAIQIGDPVSDRAVVALKATD
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20KDCALQFLGNLXEYF.....
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24	DKIPRLVCAQAANADPLYLYFKSGWKEFKPVKSSTTFASAIQIGDPVSDRAVHALKSCD
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:27	DRIPRMVCAQAANANPLYLHYKSGWKDFKPMTASTTFASAIQIGDPVSDRAVYALKKCN

Fig. 4C

SEQ ID NO: 16	421	GIVEEATEEEELMDATALADRTGMFACPHGTGVALAALFKLQGQRIIGPNDRTVVVSTAHL	480
SEQ ID NO: 18		
SEQ ID NO: 20		
SEQ ID NO: 22	 DAMVQADSTGMFICPHTGVALAALIKLNRGVIGAGERVVVSTAHL	
SEQ ID NO: 24		GIVEEATEEEELMDATAQADSTGMFICPHTGVALTALFKLRNSGVIKATDRTVVVSTAHL	
SEQ ID NO: 26		
SEQ ID NO: 27		GIVEEATEEEELMDAMAQADSTGMFICPHTGVALTALFKLRNQGVIAPTDRTVVVSTAHL	
SEQ ID NO: 16	481	KFTQSKIDYHDKNIKDMVCQYANPPISVKADFGSVMVDVLQKN.....LNGKI...	537
SEQ ID NO: 18	 MACKYSNPPVSVKADFGAVMDVLKKR.....LKGKL...	
SEQ ID NO: 20		
SEQ ID NO: 22		KFAQSKIDYHSGLLIPGMG.RYANPLVSVKADFGSVMVDVLKDSCTTSPPTLTSLDVAK	
SEQ ID NO: 24		KFTQSKIDYHSKDIKDMACRYANPPMQVKADFGSVMVDVLKTY.....LQSKA..H	
SEQ ID NO: 26		
SEQ ID NO: 27		KFTQSKIDYHSNAIPDMACRFSNPPVDVKADFGAVMDVLKSY.....LGSNTLTLS	

1	SEQ ID NO:29	60
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	MASHDYKKILTARVYDVAFETELEPARNLSARLRNPVYLIKREDNQPVFSFKLRGAYNKM	
61	SEQ ID NO:29TVVLEGD	120
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	AHIPADALARGVITASAGNHAQGVAFSAARMGVKAVIVVPTTPQVKVDVRAHGGPGVE	
121	SEQ ID NO:29	SYDEAAQSYAK...LRCQE.GRTFVPPFDHPDVIITGQGTIGMEIVRQLQGPLHAIFVP	180
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	VIQAGESYSDAYAHALKVQEERGLTFVHPFDDPYVIAGQGTIAMEILRQHQPPIHAIFVP	
181	SEQ ID NO:29	VGGGLIAGIAAYVKVRPEVKIIGVEPSDANAMALSCHGKRVMLEHVGGFADGVAVKA	240
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	IGGGLAAGVAAVVKAVRPEIKVIGVQAEDSCAMAQSLQAGKRVELAEVGLFADGTAVKL	
241	SEQ ID NO:29	VGEETFRLCRELVDGIVMVSRDCAICASIKDMFEKRSILEPAGALALAGAEAYCKYYNLK	300
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	VGEETFRLCKEYLDGVVTDTDALCAAIKDVFQDTRSVLEPSPGALAVAGAKLYAEREGIE	

Fig. 5B

SEQ ID NO: 29	301	GETVVAITSGANMNFDRRLRLVTELADVGRKREAVLATFLPERQGSFKKFTTELVGRMNITE	360
SEQ ID NO: 31		. . NIVAITSGANMNFDKLRVVTELANVGRKQEAVLATVMAEEPGSFQFCELVGQMNITE	
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		NQTLVAVTSGANMNFDRMRFVAERAEVGEAREAVFAVTIPEERGSFKRFCSLVGDRNVTE	
SEQ ID NO: 29	361	FKYRYDSNAKDALLVYSVGIYTDNELGAMMDRMESAKLRTVNLTDNDLAKDHLRYFIGGR	420
SEQ ID NO: 31		FKYRYNSNEK.AVVLYSVGVHTISELRAMQERMESSQLKTYNLTESDLVKDHLRYLMGGR	
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		FNYRI.ADAQSAHIFVGVQIRRRGESADIAANFESHGFKTADLTTHDELSKEHIRYMVVGR	
SEQ ID NO: 29	421	SEIK.DELVYRFIFPERPGALMKFLDTFSPRWNI SLFHYRAQGEAGANVLVGIQVPPAEF	480
SEQ ID NO: 31		SNVQ.NEVFVVSXPXPRKTGALMKFLDXFSPRWDISL.....	
SEQ ID NO: 33	RPGALMKFLDPFSPRWNI SLFHYRGEGETGANVLVGIQVPKSEM	
SEQ ID NO: 34		SPLALDERLFRFEFFPERPGALMKFLSSMAPDWNISLFHYRNQADYSSILVGLQVPQADH	
SEQ ID NO: 29	481	DEFKSHANNLGYEYMSEHNNEIYRLLLRDPKV	512
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		DEFHDRANKLGVDYKVVNNDDDFQLLMH....	
SEQ ID NO: 34		AEFERFLAALGYPYVEESANPAYRLFIS.....	

Fig. 6A

SEQ ID NO:36	126	GCAGATCAAGAAGATGGCAGCTCTCGACACCTTCTCTTCACTCGGAGTCTGTGAACG	185
SEQ ID NO:37	774	GCAGATAGGAGAAGATGGCCGCACTTGATACCTTCTCTTACCTCGGAGTCTGTGAACG	833
SEQ ID NO:36	186	AGGGACACCTGACAAGCTCTGCGACCAAGTCTCAGATGCCGTTCTTGACGCTTGCCCTTG	245
SEQ ID NO:37	834	AGGGCCACCTGACAAGCTCTGCGACCAAGTCTCAGATGCTGTGCTTGATGCTGCCTCGCCTCG	893
SEQ ID NO:36	246	CTGAGGACCTTGACAGCAAGTTGCTTGTGAGACCTGCACCAAGACCAACATGGTCATGG	305
SEQ ID NO:37	894	CCGAGGACCTTGACAGCAAGTCTGCTGTGAGACCTGCACCAAGACAAACATGGTCATGG	953
SEQ ID NO:36	306	TCCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCCAAATGTCGACTACGAGAAGATTGTGAGGGAGACCT	365
SEQ ID NO:37	954	TCCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCTAACGTTGACTATGAGAAGATTGTGAGGGAGACAT	1013
SEQ ID NO:36	366	GCCGCAACATTGGTTTTGTGTCAAACGATGTCGGGCTTGACGCTGACCACTGCAAGGTGC	425
SEQ ID NO:37	1014	GCCGTAAACATCGGTTTTGTGTGTCAGCTGATGTCGGTCTCGATGCTGACCACTGCAAGGTGC	1073
SEQ ID NO:36	426	TCGTGAACATTGAGCAGCAGTCCCCCTGATATTGTCTCAGGGTGTGCATGGCCACTTCACCA	485
SEQ ID NO:37	1074	TTGTGAACATCGAGCAGCAGTCCCCCTGACATTGCACAGGTTGTGCACGGCACTTCACCA	1133
SEQ ID NO:36	486	AGCGCCCGAGGAGATTGGAGCTGGTGACCAAGGACACATGTTCTGGGTATGCGACCGATG	545
SEQ ID NO:37	1134	AGCGCCCTGAGGAGATTGGTGTCTGGTGACCAAGGACACATGTTTGGATATGCAACTGATG	1193

SEQ ID NO:36	546	AGACCCCTGAGTTGATGCCCCCTCAGCCATGTCTCTTGCCACCAAGCTAGGTGCTCGTCTCA	605
SEQ ID NO:37	1194	AGACCCCTGAGTTGATGCCCCCTCAGCCATGTCTCTTGCTACCAAGCTTGGCGCTCGTCTTA	1253
SEQ ID NO:36	606	CCGAGGTCCGCAAGAACGGAAACCTGCCCTTGCTCAGGCCTGATGGGAAGACCCAGGTGA	665
SEQ ID NO:37	1254	CGGAGGTTGCAAGAAATGGGACCTGCGCATGGCTCAGGCCTGACGGGAAGACCCCAAGTGA	1313
SEQ ID NO:36	666	CAGTCGAGTACCGCAATGAGGGTGGTGCCAATGGTCCCCATCCGTGTCCACACCGTCCCTCA	725
SEQ ID NO:37	1314	CTGTTGAGTACCGCAATGAGAGCGGTGCCAGGGTCCCTGTCCGTGTCCACACCGTCCCTCA	1373
SEQ ID NO:36	726	TCTCCACCCAGCACGACGACAGTGAACCAATGATGAGATCGCTGCTGACCTGAAGGAGC	785
SEQ ID NO:37	1374	TCTCTACCCAGCATGATGAGACAGTCACCAACGATGAGATTGCTGCTGACCTGAAGGAGC	1433
SEQ ID NO:36	786	ATGTCAATCAAGCCTATCATCCCTGAGCAGTACCTTGACGAGAAGACCATCTTCCACCTTA	845
SEQ ID NO:37	1434	ATGTCAATCAAGCCTGTCTATTCCCGAGCAGTACCTTGATGAGAAGACAAATCTTCCATCTTA	1493
SEQ ID NO:36	846	ACCCATCCGGCCGCTTTGTCAATTGGTGGACCTCAGGCGGATGCTGGCCCTCACTGGCCGCA	905
SEQ ID NO:37	1494	ACCCATCTGGTCGCTTCGTCAATTGGCGGACCTCATGGTGATGTGCTCACTGGCCGGA	1553
SEQ ID NO:36	906	AGATCATCATTTGACACCTACGGTGGCTGGGAGGCCCATGGCGGTGGCGCTTCTCCGGCA	965
SEQ ID NO:37	1554	AGATCATCATTTGACACCTTATGGTGGCTGGGAGGCTCACGGTGGTGGTGCCTTCTCTGGCA	1613

Fig. 6C

```
SEQ ID NO:36 966 AGGACCCAAACCAAGTTGACCGCAGCGGAGCCTATGTCCGAGGCAGGCTGCCAAGAGCA 1025
|||||
SEQ ID NO:37 1614 AGGACCCAAACCAAGTTGACCGCAGTGAGCATACGTCCGAAGGCAAGCTGCCAAGAGCA 1673
|||||

SEQ ID NO:36 1026 TCGTCGCCAGCGGCCTTGCTCGCCGCGCCATCGTCCAGGTGTCTACGCCATCGGCGTGC 1085
|||
SEQ ID NO:37 1674 TTGTTGCTAGTGGCCTTGCTCGCCGCTGCATTGTCCAAGTATCATACGCCATCGGTGTCC 1733
|||||

SEQ ID NO:36 1086 CCGAGCCTCTCTCCGTGTTTGTGACACGTACGGCACCGGCGCGATCCCCGACAAGGAGA 1145
|||||
SEQ ID NO:37 1734 CAGAGCCACTGTCCGTAATTCGTGCGACACATACGGCACTGGCAGGATCCCTGACAAGGAGA 1793
|||||

SEQ ID NO:36 1146 TCCTCAAGATTGTCAAGGAGAACTTCGATTTCAAGGCCTGGCATGATTATCATCAACCTTG 1205
|||||
SEQ ID NO:37 1794 TCCTCAAGATTGTGAAGGAGAACTTCGACTTCAGGCCTGGCATGATCATCATCAACCTTG 1853
|||||

SEQ ID NO:36 1206 ACCTCAAGAAAGCGGGCAACGGGCGCTACCTCAAGACGGCAGCCTACGGCCACTTCGGAA 1265
|||||
SEQ ID NO:37 1854 ACCTCAAGAAAGCGGGCAACGGACGCTACCTCAAGACGGCGGCTTACGGTCACTTCGGAA 1913
|||||

SEQ ID NO:36 1266 GGGACGACCCCTGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCACTCAAGTCGGAGAAACCTTCTG 1325
|||||
SEQ ID NO:37 1914 GGGACGACCCAGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTGGGAGAAAGCCTTCTG 1973
|||||

SEQ ID NO:36 1326 CCTAAGCGGCGCCTTTT 1341
|||||
SEQ ID NO:37 1974 CCTAAAAGCTCCCTTT 1989
|||||
```

Fig. 7A

SEQ ID NO:38	80	GAGACATTCTTATTTACCTCAGAGTCAGTGAACGAGGGACACCCTGCACAAGCTCTCGCAC	139
SEQ ID NO:40	123	GAAACTTTCTTATTCACTCCGAGTCTGTGAACGAGGGTCACCCAGACAAGCTCTGTGAT	182
SEQ ID NO:38	140	CAAATCTCCGATGCTGTCTCGACGCTTGCCCTTGAACAGGACCCAGACAGCAAGGTTGCC	199
SEQ ID NO:40	183	CAGATCTCTGATGCAGTTCTTGATGCCTGCCTTGAGCAAGATCCCAGAGACAAGTTGCA	242
SEQ ID NO:38	200	TGCGAAACATGCACCAAGACCAACTTGGTCATGGTCTTCGGAGAGATCACCAACCAAGGCC	259
SEQ ID NO:40	243	TGTGAAACTTGCACCAAGACCAACTTGGTCATGGTCTTTGGTGAGATCACAAACCAAGGCT	302
SEQ ID NO:38	260	AACGTTGACTACGAGAAGATCGTGCGTGACACCTGCAGGAAACATCGGCTTCGTCTCAAAC	319
SEQ ID NO:40	303	ATTGTAGACTATGAGAAGATTGTGCGTGACACATGCCGTAATAATTGGATTGTTTCTGAT	362
SEQ ID NO:38	320	GATGTGGGACTTGATGCTGACAACTGCAAGTCCCTTGTAACCATTTGAGCAGCAGAGCCCT	379
SEQ ID NO:40	363	GATGTTGGTCTTGATGCTGACAACTGCAAGTCCCTTGTTTACATTTGAGCAGCAAAGTCCT	422
SEQ ID NO:38	380	GATATTGCCCAGGTGTGCACGGCCACCTTACCAAAAAGACCCGAGGAAATCGGTGCTGGA	439
SEQ ID NO:40	423	GATATTGCTCAAGGTGTCCACGGCCATCTGACCAAAACGCCCGAGGAGATTGGTGTGGT	482
SEQ ID NO:38	440	GACCAGGTCACATGTTTTGGCTATGCCACGGACGAAACCCAGAAATTGATGCCATTGAGT	499
SEQ ID NO:40	483	GACCAGGCCACATGTTTTGGCTATGCAACAGATGAGACCCCTGAATTAATGCCCTCTCAGT	542

Fig. 7B

SEQ ID NO:38	500	CATGTTCTTGCAACTAAACTCGGTGCTCGTCTCACCGAGGTTTCGCAAGAACGGAACCTGC	555
SEQ ID NO:40	543	CACGTGCTTGCAACTAAACTTGGTGCCCGTCTTACAGAAGTCCGCAAGAAATGGCACCTGC	602
SEQ ID NO:38	560	CCATGGTTGAGGCCCTGATGGGAAAAACCCAAGTGACTGTTGAGTATTACAATGACAACGGT	619
SEQ ID NO:40	603	GCCTGGTTGAGGCCCTGATGGCAAGACCCCAAGTTACTGTTGAGTATAGCAATGACAATGGT	662
SEQ ID NO:38	620	GCCATGGTTCAGTTTCGTGTCCACACTGTGTCTTATCTCCACCCAAACATGATGAGACTGTG	679
SEQ ID NO:40	663	GCCATGGTTCCAATTAGGGTACACACTGTTCTTATCTCCACCCAAACGATGAGACCGTT	722
SEQ ID NO:38	680	ACCAACGACGAAATTGCAGCTGACCTCAAGGAGCATGTGATCAAAGCCGGTGATCCCCGAG	739
SEQ ID NO:40	723	ACCAATGATGAGATTGCCCGCGACCTTAAGGAGCATGTCAATCAAACCAGTCATCCCAGAG	782
SEQ ID NO:38	740	AAGTACCTTGATGAGAAAGACCATTTCACACTTGAACCCCTCTGGCCGTTTTGTCAATTGA	799
SEQ ID NO:40	783	AAGTACCTTGATGAGAAATACATAATTTCCACCTTAACCCCATCTGGCCGATTTCGTTATTGGT	842
SEQ ID NO:38	800	GGTCCTCACGGTGATGCTGGTCTCACCGGCCGCAAGATCATCATCTCGATACTTACGGAGGA	859
SEQ ID NO:40	843	GGACCTCATGGTGATGCTGGTCTCACTGGTTCGTAATAATCATCATCGACACTTATGTTGGT	902
SEQ ID NO:38	860	TGGGGTGCTCATGGTGGTGTCTTCTCCGGGAAGGATCCACCAAGTTGATAGGAGT	919
SEQ ID NO:40	903	TGGGGTGCTCATGGTGGTGTGCTTTCTCGGGCAAGACCCCAACCAAGGTCGACAGGAGT	962

Fig. 7C

```
SEQ ID NO:38  920  GGTGCTTACATTGTGAGACAGGCTGCTAAGAGCATTGTGGCAAGTGGACTAGCCAGAAGG  979
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  963  GGTGCATACATTGTAAGGCAGGCTGCAAGAGTATCGTAGCTAGTGGACTTGTCTCGTAGA  1022
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  980  TGCATTGTGCAAGTGTCTTATGCCATTGGTGTGCCCCGAGCCTTTGTCTGTCTTTGTTGAC  1039
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  1023  TGCATCGTGCAGGTATCTTATGCCATCGGTGTGCTGAGCCATTGTCTGTATTCTGTTGAC  1082
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1040  ACCTATGGCACCCGGGAAGATCCATGATAAGGAGATTCTCAACATTGTGAAGGAGAACTTT  1099
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  1083  ACCTATGGCACTGGAAAGATCCCTGACAGGGAATTTTGAAGATCGTTAAGGAGAACTTT  1142
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1100  GATTTCAGGCCCGGTATGATCTCCATCAACCTTGATCTCAAGAGGGGTGGGAATAACAGG  1159
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  1143  GACTTCAGACCCTGGAATGATGTCCATTAACTTGGATTTGAAGAGGGGTGGCAATAGAAGA  1202
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1160  TTCTTGAAGACTGCTGCATATGGACACTTCGGCAGAGAGGACCCCTGACTTCACATGGGAA  1219
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  1203  TTCTTGAAAACTGCTGCCCTATGGTCACTTTGGACGTGATGACCCCGATTTCACATGGGAA  1262
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1220  GTGGTCAAGCCCCCTCAAGTGGGAGAAAGGCCCTAAGGCCATTTCATTCCTGCAATGTGCTG  1279
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40  1263  GTTGTCAAGCCCCCTCAAGTGGGAAAAAGCCCCCAAGACTAATAAGTGTCTTGCCTATGTTTTT  1322
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38  1280  GGAGTTTTTTT  1289
              | ||| |||
SEQ ID NO:40  1323  GTTCITTTGTT  1332
```

Fig. 8A

SEQ ID NO:42	41	AGCAGCGCAAGGGCATCGT	AGCACTAAAGAAATGGCAGCCGAGACGTTCCCTCTTCACGT	100
SEQ ID NO:43	23	AACTGCACGAGAGCATCTCT	ACCACCAAGAAATGGCGGCCGAGACGTTCCCTCTTCACGT	82
SEQ ID NO:42	101	CCGAGTCTGTGAACGAGGGCCATCCCGACAAGCTCTGTGACCAAGTCTCCGACGCGCGTCT	160	
SEQ ID NO:43	83	CCGAGTCCGTGAACGAGGGCCATCCCGACAAGCTGTGCGACCAAGTCTCTGACGCGCGTCT	142	
SEQ ID NO:42	161	TGGATGCCTGCTTGGCCCCAGGATGCCGACAGCAAGGTGCGCTTGGGAGACCGTCAACCAAGA	220	
SEQ ID NO:43	143	TGGACGCCTGCTTGGCCCCAGGATCCCTGACAGCAAGGTTGCTTGGGAGACCTGCACCAAGA	202	
SEQ ID NO:42	221	CAAACATGGTTCATGGTCTTGGCGGAGATCACCAAGGCCACCGTCGACTATGAGAAAGA	280	
SEQ ID NO:43	203	CAAACATGGTTCATGGTCTTGGCGGAGATCACCAAGGCCACCGTTGACTATGAGAAAGA	262	
SEQ ID NO:42	281	TCGTGCGTGACACCTGCCGCAACATCGGTTTTCATCTCTGATGACGTTGGTCTCGACGCCG	340	
SEQ ID NO:43	263	TTGTGCGCGACACCTGCCGTGACATCGGCTTCATCTCTGACGACGTCGGTCTCGATGCCG	322	
SEQ ID NO:42	341	ACCGTTGCAARGTGCTCGTCAACATCGAGCAGCAGTCCCCCTGACATTGCCCCAGGGTGTTTC	400	
SEQ ID NO:43	323	ACCATTGCAAGGTGCTCGTCAACATCGAGCAGCAATCCCCCTGACATTGCCCCAGGGTGTTTC	382	
SEQ ID NO:42	401	ATGGACACTTCACCAAGCGTCCCGAAGAGTCCGGCGCCGGTGACCCAGGGCATCATGTTTCG	460	
SEQ ID NO:43	383	ACGGACACTTCACCAAGCGTCCAGAAAGAGGTCCGGCGCCGGTGACCCAGGGCATCATGTTTG	442	
SEQ ID NO:42	461	GCTATGCCACCGATGAGACCCCTGAGCTGATGCCCTCAAGCACGTCGTTGCCACCAAGC	520	
SEQ ID NO:43	443	GCTACGCCCACTGATGAGACCCCTGAGCTGATGCCCTCAACCCACATGCTTGCCACCAAGC	502	

Fig. 8C

```
SEQ ID NO:42  941  ARGCCGCCAAGAGCATCATGCCAGCGGCCTCGCACGCCGCTGCATTGTGCAGATCTCAT 1000
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  923  AGGCTGCCAAGAGCATCATGCCAGCGGCCTCGCACGCCGCTGCATTGTGCAGATCTCAT 982

SEQ ID NO:42  1001  ACGCCATCGGTGTGCCCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTTCGTCGACTCCTACGGCACCGGCAAGA 1060
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  983  ATGCCATCGGTGTACCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTTCGTCGACTCCTACGGCACTGGCAAGA 1042

SEQ ID NO:42  1061  TCCCCGACAGGGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGGCCCGGGATGA 1120
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1043  TCCCTGACAGGGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGACCCGGGATGA 1102

SEQ ID NO:42  1121  TCAGCATCAACCTGGACTTGAAGAAAGGTGGAACACAGGTTTCATCAAGACCGCTGCTTACG 1180
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1103  TCACGATCAACCTCGACTTGAAGAAAGGTGGAACACAGGTTTCATCAAGACAGCTGCTTACG 1162

SEQ ID NO:42  1181  GTCACTTTGGCCGCGTGATGATGCCGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCCCTCAAGTTCG 1240
              ||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1163  GTCACTTTGGCCGCGTGATGATGCTGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCCCTCAAGTTCG 1222

SEQ ID NO:42  1241  ACAAGGCATCTGCCCTAAGAGCATGGCAT 1268
              ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1223  ACAAGGCATCTGCTTAAGAAGAAGACAT 1250

SEQ ID NO:42  1271  TCCTTGGTCTGCCGCCCTCTCAAGTTCGTCAAGACGGGATCATGTTGCTCCTGGGAAGTGGG 1330
              ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1266  TCTTGGTCTGATGCCTCTCAAGTTCGGCAAGGCGGGATCCTTTTGTCTCCTCGGAAGTAAG 1325

SEQ ID NO:42  1331  AAGAAGCATTAGACATTG 1348
              ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:43  1326  AAGAAGCATTCAACATCG 1343
```